



Revista Colombiana de Biotecnología

ISSN: 0123-3475

revcbib_bog@unal.edu.co

Universidad Nacional de Colombia

Colombia

Baena Del Valle, Javier Alonso; Ramos Moreno, Álvaro José; Gómez Alegría, Claudio Jaime; Gómez Camargo, Doris Esther

Comparación de métodos de extracción de ADN en tejidos parafinados y utilidad para amplificación por PCR

Revista Colombiana de Biotecnología, vol. XV, núm. 1, enero-junio, 2013, pp. 172-179

Universidad Nacional de Colombia

Bogotá, Colombia

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=77628609019>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Comparación de métodos de extracción de ADN en tejidos parafinados y utilidad para amplificación por PCR

Comparison of DNA extraction methods from formalin-fixed paraffin sections for RCP amplification

*Javier Alonso Baena Del Valle**, *Álvaro José Ramos Moreno***, *Claudio Jaime Gómez Alegría****, *Doris Esther Gómez Camargo*****

Resumen

Los tejidos fijados en formol e incluidos en parafina son una fuente de material para hallazgos moleculares en el ámbito clínico y científico, demostrándose que el ADN extraído de éstos, es adecuado para amplificación a través de la reacción en cadena de la polimerasa (RCP). En este estudio, se ensayaron tres métodos de extracción de ADN en tejidos incluidos en parafina, con el objetivo de comparar la eficiencia de estos para obtener ADN adecuado, además se analizó su utilidad en amplificación por RCP. Se emplearon tres muestras, correspondientes a una biopsia de pulmón, legrado endometrial y ganglio linfático, todas fijadas en formaldehído al 10% e incluidas en parafina. Utilizándose tres métodos diferentes de extracción de ADN (extracción por salting out, método modificado de Sambrook y kit comercial) El ADN obtenido se cuantificó por espectrofotometría, además se realizó electroforesis en gel de agarosa al 1%, para comprobar si el ADN era de buena calidad y se realizó RCP para el exón 3 del gen caveolina 1. Todos los métodos dieron como resultado un buen producto de ADN genómico, observándose mayor cantidad y pureza en los métodos de salting out y kit comercial, asimismo se obtuvo amplificación del producto esperado por estos dos métodos, no hubo buenos resultados con el ADN extraído por el método modificado "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails and Other Small samples, según Sambrook". El ADN obtenido a partir de tejidos FFIP puede ser amplificado por varios métodos, entre estos, la extracción por salting out es útil y con poca toxicidad, permite obtener ADN de buena calidad para amplificación por RCP.

Palabras claves: ADN, aislamiento y purificación, adhesión en parafina, formaldehído, reacción en cadena de la polimerasa.

Abstract

Formalin-fixed and paraffin-embedded tissues are a source of important molecular findings in clinical and scientific, demonstrating that the DNA extracted from these is suitable for amplification by polymerase chain reaction (PCR). In this study, we tested three methods of DNA extraction, in order to compare the efficiency of these DNA for RCP amplification. Three

* Médico, Residente de patología. Programa Jóvenes Investigadores e Innovadores "Virginia Gutiérrez de Pineda", Colciencias. Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena. Grupo de Investigación UNIMOL, Cartagena - Colombia.

** Bachelor of Science, Canal Medical Center. Houston, Texas - Estados Unidos de América.

*** Médico, Estudiante Doctorado en Medicina Tropical, Universidad de Cartagena. Bioquímico, Doctor en Ciencias. Facultad de Ciencias, Departamento de Farmacia. Universidad Nacional de Colombia. Grupo de Investigación UNIMOL, Bogotá DC, Colombia

**** Bacterióloga, Magister en Microbiología Clínica, Doctora en Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Medicina, Doctorado en Medicina Tropical. Universidad de Cartagena. Grupo de Investigación UNIMOL, Cartagena, Colombia. Autor de correspondencia: Doris Gómez Camargo. MSc. PhD. Carrera 6 No 5-161 apartamento 502. Cartagena, Colombia. Correo electrónico: degomez@hotmail.com.

samples were used, corresponding to a lung biopsy, endometrial curettage and lymph node, all fixed in 10% formaldehyde and embedded in paraffin. Three different methods were used for DNA extraction (extraction by salting out, modified Sambrook method and commercial kit) The DNA obtained was analyzed by spectrophotometry, and gel electrophoresis was performed in 1% agarose to check if the DNA was amplifiable. PCR was performed for exon 3 of caveolin-1 gene. All methods resulted in a good product of genomic DNA, obtaining more quality and purity in the salting out and commercial kit methods. Also, we obtained amplification of the product by these two methods, without favorable results with the DNA extracted by the modified "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails and Other Small samples, according to Sambrook *et al.*" The DNA obtained from FFPE can be amplified by several methods, among them, salting out extraction is an easy, effective and low toxicity for obtaining good quality DNA for PCR amplification.

Key words: DNA, isolation & purification, paraffin embedding, formaldehyde, polymerase chain reaction.

Recibido: octubre 15 de 2012

Aprobado: junio 16 de 2013

Introducción

Los tejidos fijados en formol e incluidos en parafina (FFIP) son una gran fuente de material para hallazgos moleculares en el ámbito clínico y científico, porque representan un material biológico específico de una enfermedad, permitiendo establecer correlación entre aspectos moleculares, patogénesis, pronóstico clínico y tratamiento (Lehmann y Kreipe, 2001; Dedhia *et al.*, 2007).

El ADN extraído de tejidos FFIP es adecuado para amplificación a través de la reacción en cadena de la polimerasa (RCP) y existen muchos estudios que han demostrado la utilidad del análisis genético basado en RCP con tejidos FFIP (Akao *et al.*, 1991; Sato *et al.*, 2001), no solo para estudiar alteraciones del genoma humano, sino también para el diagnóstico de patógenos de importancia como virus y bacterias, en los cuales las técnicas de detección microbiológica convencionales pueden ser laboriosas y tomar varios días antes de obtener un resultado (Yang *et al.*, 2004; Mahaisavariya *et al.*, 2005; Dedhia *et al.*, 2007).

El formaldehído al 10% es el fijador más utilizado en los estudios histopatológicos. Sin embargo, en algunos casos es difícil obtener grandes fragmentos de ADN a partir de tejidos FFIP debido a que el ácido fórmico generado en la solución de formaldehído al 10%, el tiempo de fijación y el periodo de almacenamiento de los tejidos en bloques de parafina afecta la calidad del ADN. Por ejemplo, durante la fijación en formaldehído al 10%, este se transforma gradualmente en ácido fórmico, el cual hidroliza el ADN, generando extensa fragmentación de los ácidos nucleicos y pobres resultados en la amplificación por RCP (Greer *et al.*, 1994; Pavelić *et al.*, 1996; Sato *et al.*, 2001).

Los métodos tradicionales para aislamiento de ADN de tejidos FFIP utilizan xilol como agente removedor de parafina, seguido de purificación con fenol/cloroformo, lo cual requiere múltiples pasos con una pro-

longada duración y riesgo de contaminación cruzada con otras muestras que se estén procesando al mismo tiempo (Howe *et al.*, 1997; Yang *et al.*, 2004).

En este estudio, se aplicaron tres métodos para extracción de ADN en una serie de tejidos FFIP, con el objetivo de comparar la eficiencia de estos para producir ADN de buena calidad y cantidad. Además de evaluar la aplicabilidad del ADN extraído al realizar amplificación por RCP.

Materiales y métodos

Tipo de estudio

Estudio descriptivo transversal

Diseño experimental

Estudio cuantitativo experimental

Muestras de estudio

Se analizaron tres bloques de tejidos FFIP, archivados en el Laboratorio de Patología del Hospital Universitario del Caribe (Cartagena, Colombia), que habían sido previamente utilizados para estudio histopatológico y diagnóstico. Se solicitó consentimiento informado. Las muestras correspondían a biopsia transbronquial de pulmón, una muestra de legrado endometrial y una muestra de ganglio linfático, todas fijadas en formaldehído al 10% tamponado y almacenadas a temperatura ambiente en un periodo inferior a seis meses. Para cada caso, se tomaron tres cortes de 10 μ m de grosor por triplicado. Se emplearon tres métodos diferentes de extracción de ADN para cada caso, realizando limpieza a fondo y nuevos sets de instrumentos de corte después de cada muestra procesada.

Preparación inicial

Los cortes fueron depositados en tubos de microcentrífuga con capacidad de 1,5 ml. El proceso de remo-

ción de la parafina y digestión enzimática se realizó según el protocolo de Rivero y colaboradores. (Rivero *et al.*, 2006) con algunas modificaciones, de la siguiente forma:

Se tomó el mismo número de cortes para cada muestra. Se añadió 1 ml de xilol precalentado (aproximadamente 50 °C) a cada microtubo y se mantuvo a 56 °C por 10 minutos, luego se centrifugó a 10000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos. El sobrenadante fue descartado, seguido de nuevos cambios de xilol precalentado, hasta que la parafina se removiera completamente. El botón fue lavado con etanol en concentraciones descendentes (etanol absoluto, etanol al 95% y al 70%). Cada cambio fue precedido por homogenización en vórtex y centrifugación a 10000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos. Posteriormente se añadieron 400 µl de tampón de digestión proteínasa K µg/µl (NaCl 1 M, Tris-HCl 1 M, EDTA 0,5 M, pH 8; dodecilsulfato sódico 10%). La digestión en este caso se llevó a cabo por 24 horas a 60 °C, reduciendo el periodo de digestión de 1 – 2 días, recomendando por Rivero y Cols. Al concluir este proceso la proteínasa K fue inactivada por calor a 95 °C por 10 minutos.

Del material obtenido luego de la desaparafinización y digestión enzimática se realizó la extracción de ADN mediante los tres métodos señalados a continuación. Todos los experimentos fueron realizados por triplicado:

Extracción de ADN por salting - out (Método A)

Se siguió el método planteado por Rivero y Cols (Rivero *et al.*, 2006), reemplazando el agente precipitante

original (acetato de amonio 2 y 4 M) por NaCl 5 M, de la siguiente manera: Una vez concluida la digestión enzimática se añadieron 500 µl de NaCl 5 M. Los microtubos fueron agitados vigorosamente en un vórtex, se incubaron en hielo por 5 min y posteriormente se centrifugaron a 13,000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos. El sobrenadante fue transferido a un tubo estéril con 600 µl de isopropanol, la mezcla se incubó en hielo por 10 minutos y se centrifugó a 13,000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos, consecutivamente se descartó el sobrenadante y el botón de ADN fue lavado con etanol al 70% y se centrifugó a 13,000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos. El sobrenadante fue descartado y el ADN fue finalmente disuelto en solución TE (Tris-HCl 10 mM, pH 1,4 y EDTA 1mM, pH 8) e incubado a 4 °C por 24 horas.

Extracción de ADN por método modificado “Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples, según Sambrook (Método B)

Se siguió el protocolo No. 5 (Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples) según Sambrook (Sambrook, J, 2001) con modificaciones a la técnica, así:

Tras inactivar la proteínasa K de la solución de digestión, se obvió la utilización de fenol y se añadió solo un volumen equivalente de cloroformo:alcohol isoamílico (24:1 v/v), agitando suavemente por inversión. Las fases orgánicas y acuosas se separaron por centrifugación a 10000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos. La fase acuosa superior se transfirió a un nuevo tubo de microcentrífuga. El ADN fue precipitado

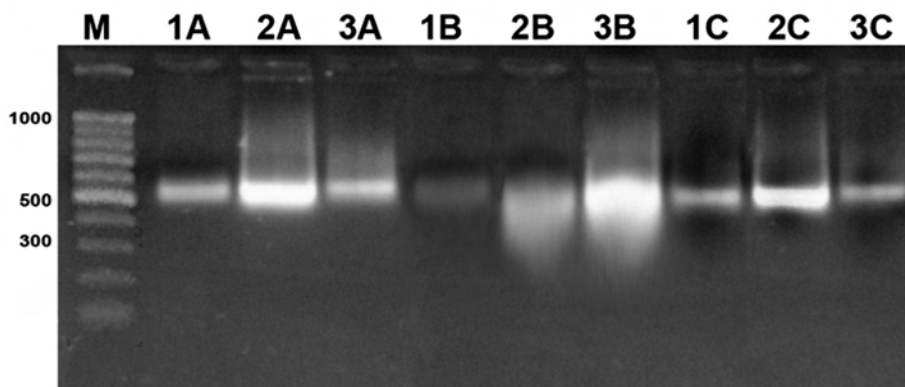


Figura 1. Patrón de electroforesis de las muestras de ADN en gel de agarosa al 1% obtenidos por cada método de extracción. (A) método de extracción por salting out. (B) método modificado “Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples”, según Sambrook. (C) método por kit comercial. (M) marcador de peso molecular 100 bp, expresado en pares de bases (pb). La muestra 1 corresponde a la biopsia transbronquial, muestra 2 al legrado endometrial y muestra 3 al ganglio linfático.

añadiendo un volumen equivalente de isopropanol, los tubos fueron incubados a -20 °C por 10 minutos y posteriormente centrifugados a 12000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos. El isopropanol fue descartado y se lavó el botón con 500 µl de etanol 70%, se centrifugó a 12000 rpm, temperatura ambiente, por 5 minutos. Después de descartar el sobrenadante se secaron los botones en aire seco a temperatura ambiente, por 15 - 20 minutos. El ADN fue rehidratado en solución TE a 4 °C por 24 horas.

Extracción de ADN por kit comercial (Método C)

Se utilizó el kit comercial PureLink® Genomic DNA Kits para purificación de ADN genómico (Invitrogen®, Carlsbad, CA, USA). No hubo conflicto de intereses en la elección de este método. Siguiéndose el protocolo de manufactura en el apartado "Extracción de ADN de tejido". El ADN purificado se almacenó a -20 °C hasta el análisis espectrofotométrico y electroforesis en gel de agarosa al 1%.

Cantidad, pureza y patrón electroforético del ADN

La cantidad de ADN para cada método de extracción fue determinada por medio de espectrofotometría (8452 UV, HP®, Palo Alto, CA, USA) calculada de la absorbancia a 260 nm (A260) y la pureza se obtuvo por medio de la relación A260/ A280. El tamaño de cada ADN obtenido fue comparado por medio de electroforesis en geles de agarosa (1% en Tris acetato y tampón EDTA, pH 8) teñido con bromuro de etidio (Merck®, Darmstadt, Alemania), utilizando marcador de peso molecular 100 bp DNA Ladder 0,13 µg/µl (Promega, Madison, WI, EU). Posteriormente, el gel fue fotografiado bajo luz ultravioleta en un sistema de fotodocumentación Kodak® EDA 290 1D V 3.5.4 con transiluminador Bi - O Vision® (Spectroline, Westbury, NY, USA).

Amplificación por RCP

Para comprobar si el ADN obtenido en cada método era amplificable, se utilizó cada muestra de ADN como molde para amplificar un fragmento de 782 pares de bases (pb) en la secuencia codificante del exón 3 del gen caveolina - 1 (GenBank Gene ID: 857), utilizando los cebadores F: 5'- TCTGTGTTCCCAAGTTCCA -3' y R: 5'- GCCAATAAAGCGATGGTTGA -3'. La reacción fue desarrollada en tubos de RCP de 200 µL (Simport®, Beloeil Qc, Canada). Cada reacción estandarizada se llevó a cabo en un volumen final de 25 µl que contenía 100 ng de ADN molde, 7,5 pM de cebador, 200 µM de cada deoxinucleótido trifosfatado 100mM (dNTPs)

(Invitrogen® Brasil Ltda, Sao Paulo, Brasil), 0,5 U de Taq DNA polimerasa recombinante (Invitrogen® Brasil Ltda, Sao Paulo, Brasil) en un amortiguador que consistió en Tris - HCl 20mM, (pH 8,4) KCl 50mM y MgCl2 3mM (Invitrogen® Brasil Ltda, Sao Paulo, Brasil). Todos los experimentos de amplificación por RCP fueron realizados por duplicado.

Todas las reacciones de RCP se realizaron en un termociclador Genius® (Techne Incorporated, Burlington NJ, USA). El programa de ciclos utilizado fue 95 °C por cinco minutos (un ciclo), 95 °C por 1 minuto, 50 °C por 1 minuto y 72 °C por 1 minuto (27 ciclos), finalmente 72 °C por 10 minutos (un ciclo).

Los productos de reacción fueron analizados por electroforesis en geles de agarosa al 1%, utilizando marcador de peso molecular 100 bp DNA Ladder 0,13 µg/µl (Promega, Madison, WI, EU). La separación se llevó a cabo a 80 voltios constantes por 60 minutos (temperatura ambiente), posteriormente las imágenes fueron digitalizadas.

Análisis estadístico

Las concentraciones y relaciones de absorbancia A260/A280 fueron comparadas empleando la prueba t de Student. La concordancia entre las concentraciones de ADN obtenidas con cada uno de los tres métodos fue estimada mediante el Coeficiente de Correlación de Pearson y el Coeficiente de Correlación y Concordancia de Lin. Para estos procedimientos se estimaron las medias a partir del conjunto de todos los valores obtenidos con los tres tipos de muestras, con valores únicos de tendencia central para los tres métodos.

Resultados

Cantidad y pureza del ADN

La cantidad total y pureza del ADN para cada método están descritas en la tabla 1. Todos los tres métodos de extracción dieron como resultado una buena cantidad de ADN (mayor a 100 ng/µl) que se consideró adecuada para la amplificación por RCP, obteniendo mayor cantidad por el método salting out con un promedio de 439 ng/µl, seguido por el método modificado "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails and Other Small samples", según Sambrook con un promedio de 285 ng/µl y en menor cantidad con el método de extracción con kit comercial, obteniendo un promedio de 268 ng/µl. El rango de pureza del ADN (A260/ A280) estuvo entre 1,02 y 1,88. El método con el cual se obtuvo menor

contaminación del ADN de los tres métodos ensayados fue la extracción por medio de kit comercial (promedio = 1,74) y la menor pureza correspondió a las muestras extraídas por el método modificado "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples, según Sambrook" (promedio = 1,25).

Tabla 1. Cantidad y pureza del ADN, de acuerdo a los diferentes métodos de extracción utilizados. A: método de extracción por salting out. B: método modificado "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples", según Sambrook, 2001. C: método por kit comercial. La muestra 1 corresponde a la biopsia transbronquial, muestra 2 al legrado endometrial y muestra 3 al ganglio linfático.

Método	Muestra	Cantidad de ADN (ng/ul)	Pureza del ADN (A260/A280)
A	1	376	1,73
	2	631	1,34
	3	310	1,65
B	1	121	1,25
	2	189	1,02
	3	545	1,48
C	1	204	1,88
	2	405	1,60
	3	196	1,74

Las diferencias entre las concentraciones medias de ADN se expresan en las tabla 1 y 2. Con el método A se obtuvieron concentraciones más altas a partir de las muestra 2, mientras que el método B arrojó concentraciones de ADN más altas cuando fue aplicado a la muestra 3. Únicamente las diferencias entre las medias de los métodos A y C fueron significativas, cuando se compararon los resultados obtenidos con todos los tipos de muestra conjuntamente. El grado de concordancia entre los tres métodos se representa en las tablas 3 y 4, para los coeficientes de correlación de Pearson y coeficiente de correlación y concordancia de Lin, respectivamente. De acuerdo con los resultados, los métodos A y C conservan correlación, pero en general la concordancia entre las concentraciones de ADN medidas es baja.

En la comparación de las razones A260/A280, las medias para los métodos A y B no mostraron diferencias estadísticamente significativas ($p=0,144$), al igual que las medias de los métodos A y C ($p=0,318$); la compa-

ración entre las medias para los métodos B y C mostró diferencias estadísticamente significativas ($p=0,044$).

Tabla 2. Comparación de medias para todas las muestras empleando la prueba t de Student. Se expresan los valores de p correspondientes a cada apareamiento.

Método	A	B	C
A	-	0.07983	0.01249
B	-	-	0.8259
C	-	-	-

Tabla 3. Análisis de correlación lineal de Pearson, en el que se incluyeron los valores de todas las pruebas para las tres muestras en cada uno de los métodos estudiados.

Método	A	B	C
A	-	-0.54 ($p=0.1347$)	0.98 ($p<0.001$)
B	-	-	-0.4 ($p=0.2918$)
C	-	-	-

Tabla 4. Análisis de concordancia entre las concentraciones de ADN obtenidas con los tres métodos en estudio. Los valores expresados corresponden al Coeficiente de Correlación y Concordancia de Lin.

Método	A	B	C
A	-	-0.3580239	0.457579
B	-	-	-0.3222762
C	-	-	-

Patrón electroforético

La figura 1 muestra el patrón electroforético del ADN obtenido por los tres métodos de extracción. En general el ADN genómico osciló entre 900 pb y 300 pb, lo cual es comúnmente observado en ADN extraído de tejidos FFIP. Se observaron diferencias en las corridas electroforéticas; los patrones de ADN de los métodos A (salting out) y C (kit comercial) fueron muy similares, obteniéndose una banda homogéneamente teñida entre 500 pb y 700 pb. El ADN obtenido por el método B (método modificado "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples", según Sambrook, 2001) mostró un patrón de electroforesis diferente, El ADN no se observó uniformemente teñido,

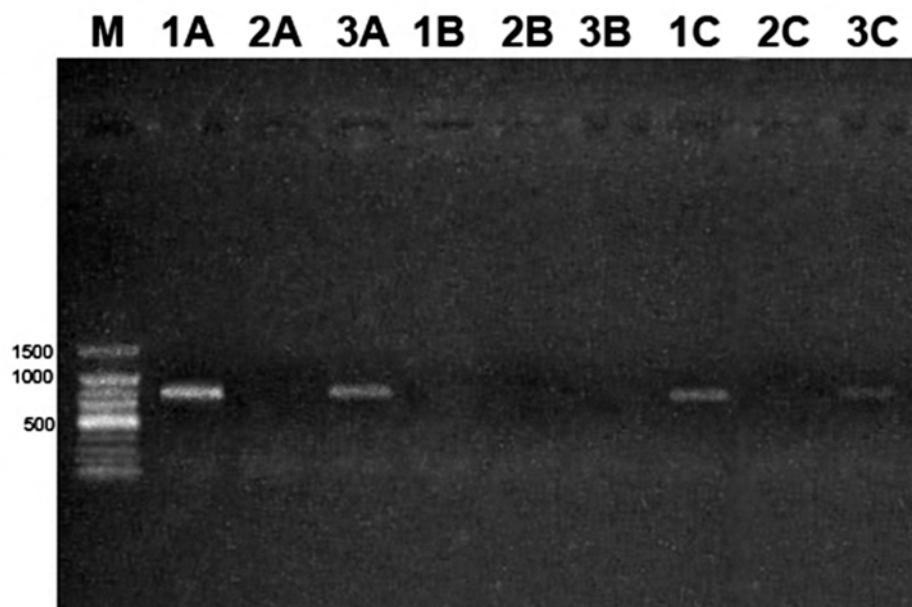


Figura 2. Fragmentos de ADN amplificados del exón 3 del gen cavolina - 1 con ADN total obtenido por cada método de extracción. (A) método de extracción por salting out. (B) método modificado “Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails and Other Small samples”, según Sambrook. (C) método por kit comercial. (M) marcador de peso molecular 100 pb, expresado en pares de bases (pb). Las muestra 1 corresponde a la biopsia transbronquial, muestra 2 al legrado endometrial y muestra 3 al ganglio linfático.

con extensión hasta el fondo del corrido, lo que sugirió la presencia de degradación.

Amplificación por RCP

La utilidad del ADN obtenido para las reacciones por RCP se muestra en la figura 2. Se amplificó el fragmento de 782 pb del exón 3 del gen caveolina - 1. Solo se obtuvo amplificación en dos muestras del método A y dos muestras del método C, las cuales correspondían a ADN extraído de biopsia transbronquial y de ganglio linfático. La amplificación no fue exitosa con las muestras extraídas por el método B ni con el ADN obtenido de la muestra de legrado endometrial, en ninguno de los tres métodos.

Discusión

Los tejidos FFIP constituyen un archivo de especímenes humanos únicos. La correcta extracción de ADN y las técnicas basadas en RCP, permiten ahora que los patólogos y científicos empleen dicho material para una gran variedad de propósitos (Mies, 1994; Sepp *et al.*, 1994; Díaz-Cano, 1997; Chan *et al.*, 2001; Rivero *et al.*, 2006). Sin embargo, es difícil obtener resultados consistentes, debido a que el ADN extraído de tejidos fijados está usualmente poco preservado o degrada-

do. Se ha demostrado que el ADN extraído de muestras fijadas en formol por más de 24 horas muestran una marcada disminución en la amplificación por RCP (Forsthoefel *et al.*, 1992; Stein y Raoult, 1992; Greer *et al.*, 1994; Sato *et al.*, 2001).

Actualmente existen múltiples métodos de extracción de ADN de tejidos FFIP publicados, diseñados con el fin de mejorar la efectividad de la amplificación por RCP. Los métodos rutinarios para extraer ADN de tejidos FFIP consisten en múltiples pasos que incluyen desparafinización en xilol, lavado en series decrecientes de etanol, digestión proteica y por último purificación del ADN. El método más frecuente utilizado es la extracción por fenol - cloroformo (Isola *et al.*, 1994; Rivero *et al.*, 2006; Farrugia *et al.*, 2010; Ludyga *et al.*, 2012). El fundamento de este sistema de separación es la solubilidad de ácidos nucleicos, proteínas y lípidos en solventes orgánicos, pero tiene como inconvenientes la toxicidad del fenol (en este estudio fue utilizada solo la preparación cloroformo:alcohol isoamílico 24:1), procedimientos laboriosos y múltiples procesos de centrifugado y pipeteo que aumentan el riesgo de contaminación.

Por otro lado, la extracción con kit comercial permite obtener un ADN de muy buena calidad y utilidad para

RCP (Cao *et al.*, 2003; Khokhar *et al.*, 2011; Turashvili *et al.*, 2012), pero presenta como limitante principal el elevado costo de algunos de estos sistemas de purificación.

En este trabajo se utilizó un método de extracción por salting out similar al empleado por Rivero y colaboradores. (Rivero *et al.*, 2006), reemplazando el agente precipitante de ese método (acetato de amonio 2 y 4 M) por NaCl 5 M, obteniendo ADN de buena cantidad, calidad y patrón electroforético comparable al sistema comercial y con mejores resultados con respecto a la extracción por el método modificado "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples", según Sambrook. Además, el método de salting out es más sencillo y menos tóxico que el sistema convencional de fenol - cloroformo o la variación cloroformo - alcohol isoamílico.

Por otro lado, al analizar la amplificación por RCP, observamos que el método de extracción por salting out es igual de eficiente que el método de aislamiento por kit comercial, con cantidad y pureza de ADN estadísticamente comparable, permitiendo obtener el producto de amplificación esperado, el cual puede ser utilizado para múltiples propósitos. Si bien, existen en la actualidad diversas pruebas comerciales específicamente diseñadas para extraer ADN de tejidos FFIP, las cuales permiten aislar ADN de buena calidad para RCP y procesos de secuenciación, en laboratorios y proyectos con presupuesto limitado la técnica de salting out modificada es una buena alternativa para llevar a cabo las extracciones de ADN de tejidos FFIP.

La ausencia de amplificación por el método modificado "Preparation of Genomic DNA from Mouse Tails y Other Small samples", según Sambrook pudo deberse a la carencia de ADN molde de longitud suficiente para el producto deseado (782 pb) o contaminación excesiva que hubiera interferido con la reacción.

La utilización de tres muestras de diferentes tejidos (tejido linfoide, endometrio y tejido pulmonar) fue de gran utilidad en este estudio, debido a que cada uno presenta diversas propiedades que pueden influir en la cantidad y calidad del ADN, asimismo, en el rendimiento de la RCP. El tejido linfoide, en este caso obtenido de ganglio linfático, es muy celular y por ende aportaría una mayor cantidad de ADN. Las muestras de endometrio usualmente contienen cantidades significativas de hematíes, que pueden inhibir reacciones de amplificación por RCP. Por otro lado, el parénquima pulmonar es una muestra de celularidad estándar y de buen rendimiento. Teniendo en cuenta que en este trabajo realizamos variaciones en los métodos de preparación

y extracción de ADN para disminuir su toxicidad y mejorar el rendimiento de la RCP, la utilización de tres tejidos diferentes fue útil para observar ventajas y limitantes en el rendimiento de las técnicas. Por ejemplo, la presencia de abundantes glóbulos rojos en las muestras de endometrio pudieron ser causantes de la falta de amplificación por RCP (figura 2, muestras 2A, 2B, 2C) en cada uno de los métodos ensayados, lo anterior ha sido reportado previamente en la literatura (Sambrook, J, 2001; Al-Soud y Rådström 2001).

En otros estudios (Greer *et al.*, 1994; Rivero *et al.*, 2006) se ha demostrado que el agente fijador es importante para la calidad del ADN obtenido, demostrando que los tejidos fijados en etanol y en menor proporción formaldehído al 10% tamponado, tienden a tener fragmentos de ADN de mayor longitud en comparación con fijadores como Zenker y B5, por lo tanto, los dos primeros son más útiles para el análisis por RCP. Si se obtienen fragmentos de bajo peso molecular, será difícil obtener productos mayores a 500 pb.

Conclusiones

En conclusión, aunque obtener ADN de tejidos FFIP es un desafío debido a que no siempre es posible obtener fragmentos de gran tamaño y en algunos laboratorios no tenemos a disposición kits comerciales para llevar a cabo este proceso, la técnica de extracción por salting out modificada en este estudio es una forma rápida, pues acorta el periodo de digestión en 1 a 2 días y con poca toxicidad, debido a la utilización de NaCl como agente precipitante, que permite obtener ADN de buena cantidad y de buena longitud para amplificación por RCP convencional.

Agradecimientos

Agradecemos a Colciencias y el Programa Jóvenes Investigadores e Innovadores "Virginia Gutiérrez de Pineda", por patrocinar al joven investigador Javier A. Baena Del Valle, a la Universidad de Cartagena y al Laboratorio de Patología del Hospital Universitario del Caribe por permitir la utilización de sus laboratorios y muestras de tejidos FFIP de paciente y al personal técnico, al Grupo UNIMOL por la financiación, al Médico, Estudiante del Doctorado en Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Gustavo Mora García, por realizar el análisis estadístico.

Referencias bibliográficas

Akao I., Sato Y., Mukai K., Uhara H., Furuya S., Hoshikawa T., Shimosato Y., y Takeyama I. 1991. Detection of Epstein-Barr virus DNA in formalin-fixed paraffin-embedded tissue of nasopharyn-

- geal carcinoma using polymerase chain reaction y in situ hybridization. *Laryngoscope*. 101 (3): 279-283.
- Al-Soud, W A, y P Rådström. 2001. Purification and Characterization of RCP-inhibitory Components in Blood Cells. *Journal of Clinical Microbiology*. 39 (2): 485-493.
- Cao W., Hashibe M., Rao J.Y., Morgenstern H., y Zhang Z.F. 2003. Comparison of methods for DNA extraction from paraffin-embedded tissues y buccal cells. *Cancer Detection and Prevention*. 27 (5): 397-404.
- Chan P.K., Chan D.P., To K.F., Yu M.Y., Cheung J.L. y Cheng, A.F. 2001. Evaluation of extraction methods from paraffin wax embedded tissues for RCP amplification of human y viral DNA. *Journal of Clinical Pathology*. 54 (5): 401-403.
- Dedhia P., Tarale S., Dhongde G., Khadapkar R., y Das B. 2007. Evaluation of DNA extraction methods and real time RCP optimization on formalin-fixed paraffin-embedded tissues. *Asian Pacific Journal of Cancer Prevention*. 8 (1): 55-59.
- Díaz-Cano S.J., y Brady S.P. 1997. DNA extraction from formalin-fixed, paraffin-embedded tissues: protein digestion as a limiting step for retrieval of high-quality DNA. *Diagnostic Molecular Pathology*. 6 (6): 342-346.
- Farrugia A., Keyser C., y Ludes B. 2010. Efficiency evaluation of a DNA extraction and purification protocol on archival formalin-fixed and paraffin-embedded tissue. *Forensic Science International*. 194 (1-3): 25-28.
- Forsthoefel K.F., Papp A.C., Snyder P.J., y Prior T.W. 1992. Optimization of DNA extraction from formalin-fixed tissue and its clinical application in Duchenne muscular dystrophy. *American Journal of Clinical Pathology*. 98 (1): 98-104.
- Greer C.E., Wheeler C.M., y Manos M.M. 1994. Sample preparation and RCP amplification from paraffin-embedded tissues. *PCR Methods and Applications*. 3 (6): S113-122.
- Howe J.R., Klimstra D.S., y Cordon-Cardo C. 1997. DNA extraction from paraffin-embedded tissues using a salting-out procedure: a reliable method for RCP amplification of archival material. *Histology and Histopathology*. 12 (3): 595-601.
- Isola J., DeVries S., Chu L., Ghazvini S., y Waldman F. 1994. Analysis of changes in DNA sequence copy number by comparative genomic hybridization in archival paraffin-embedded tumor samples. *American Journal of Pathology*. 145 (6): 1301-1308.
- Khokhar S.K., Mitui M., Leos N.K., Rogers B.B., y Park J.Y. 2011. Evaluation of Maxwell® 16 for automated DNA extraction from whole blood and formalin-fixed paraffin embedded (FFPE) tissue. *Clinical Chemistry and Laboratory Medicine*. 50 (2): 267-272.
- Lehmann U., y Kreipe H. 2001. Real-time RCP analysis of DNA and RNA extracted from formalin-fixed and paraffin-embedded biopsies. *Methods*. 25 (4): 409-418.
- Ludyga N., Grünwald B., Azimzadeh O., Englert S., Höfler H., Tapio S., y Aubele M. 2012. Nucleic acids from long-term preserved FFPE tissues are suitable for downstream analyses. *Virchows Arch*. 460 (2): 131-140.
- Mahaisavariya P., Chaiprasert A., Manonukul J., Khemngern S., y Tingtoy N. 2005. Detection and identification of Mycobacterium species by polymerase chain reaction (RCP) from paraffin-embedded tissue compare to AFB staining in pathological sections. *Journal of the Medical Association of Thailand*. 88 (1): 108-113.
- Mies C. 1994. Molecular biological analysis of paraffin-embedded tissues. *Human Pathology*. 25 (6): 555-560.
- Pavelić J., Gall-Troselj K., Bosnar M.H., Kardum M.M., y Pavelić K. 1996. RCP amplification of DNA from archival specimens. A methodological approach. *Neoplasma*. 43 (2): 75-81.
- Rivero E.R.C., Neves A.C., Silva-Valenzuela M.G., Sousa S.O.M., y Nunes F.D. 2006. Simple salting-out method for DNA extraction from formalin-fixed, paraffin-embedded tissues. *Pathology - Research and Practice*. 202 (7): 523-529.
- Sambrook, J. 2001. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Nueva York, Estados Unidos de América: Springer Harbor Laboratory Press, p 2344.
- Sato Y., Sugie R., Tsuchiya B., Kameya T., Natori M., y Mukai K. 2001. Comparison of the DNA extraction methods for polymerase chain reaction amplification from formalin-fixed and paraffin-embedded tissues. *Diagnostic Molecular Pathology*. 10 (4): 265-271.
- Sepp R., Szabó I., Uda H., y Sakamoto H. 1994. Rapid techniques for DNA extraction from routinely processed archival tissue for use in RCP. *Journal of Clinical Pathology*. 47 (4): 318-323.
- Stein A., y Raoult D. 1992. A simple method for amplification of DNA from paraffin-embedded tissues. *Nucleic Acids Research*. 20 (19): 5237-5238.
- Turashvili G., Yang W., McKinney S., Kalloger S., Gale N., Ng Y., Chow K., Bell L., Lorette J., Carrier M. 2012. Nucleic acid quantity and quality from paraffin blocks: defining optimal fixation, processing and DNA/RNA extraction techniques. *Experimental and Molecular Pathology*. 92 (1): 33-43.
- Yang Y.-Y., Koh L.-W., Tsai J.-H., Tsai C.-H., Wong E.F.-C., Lin S.-J., y Yang C.-C. 2004. Involvement of viral and chemical factors with oral cancer in Taiwan. *Japanese Journal of Clinical Oncology*. 34 (4): 176-183.